



**University of
Zurich**^{UZH}

**Zurich Open Repository and
Archive**

University of Zurich
University Library
Strickhofstrasse 39
CH-8057 Zurich
www.zora.uzh.ch

Year: 2014

Network merging analysis of duplicate genome function in recently hybridized species

Shimizu, Kentaro K

Posted at the Zurich Open Repository and Archive, University of Zurich
ZORA URL: <https://doi.org/10.5167/uzh-95624>
Book Section

Originally published at:

Shimizu, Kentaro K (2014). Network merging analysis of duplicate genome function in recently hybridized species. In: Awardees of Human Frontier Science Program. Tokyo: s.n., 26-27.

2011年度 若手研究 Grant 受賞（新規追加事例）

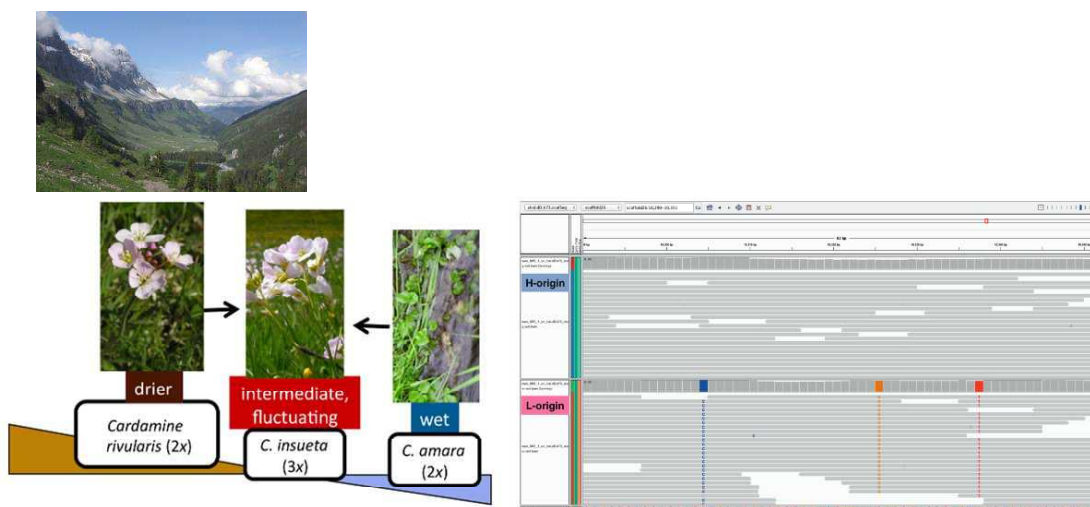
受賞者氏名	清水 健太郎 チューリッヒ大学理学部・進化環境研究所
共同研究者	SESE Jun (Japan) HAY Angela (UK)

Network merging analysis of duplicate genome function in recently hybridized species

【研究概要】

ダーウィン以来、種分化は生物学の中心的な謎であるが、大部分の種分化は地質時代に起こったため、当時の生息環境やプロセスを知ることは難しい。しかし、20 世紀に現れた新種も世界で数例知られている。スイスのウルナーボーデン村（図左上）では、20 世紀初頭に農民が農地を開拓したことで、水中に生育する種と草地に生育する種が交配し、中間的・変動環境に生息する倍数体種 *Cardamine insueta* が現れた(Mandakova et al. 2013 など)（図左下）。こうしたゲノム重複と種間交雑による種分化を、異質倍数体種分化という。ネットワーク科学の観点から見ると、異質倍数体化はネットワークの融合(network merge)とみなすことができる。2つの遺伝子ネットワークが融合することで、必要な機能を維持しつつ新たな環境応答をどのように得るのだろうか？

これまで、手法的な制約から、異質倍数体のネットワーク融合の研究は非常に難しかった。これは、重複遺伝子の配列が非常に似ているために、PCR やマイクロアレイなどの手法では区別が困難だったことによる。我々は、情報科学と生物学の共同研究により、次世代シーケンサーを利用して重複遺伝子を区別するアルゴリズム HomeoRoq を開発した。そして、研究室で人工的に作成したシロイヌナズナ属の異質倍数体 *Arabidopsis kamchatica* を利用して、このアルゴリズムが高い精度で機能していることを実験的に確認した(Akama et al. 2014)。図右のように、次世代シーケンサーのリードをそれぞれの両親由来にソートできた。さらに、overdispersion をとりいれた新たな統計手法を開発することで、ゲノム全体のうちの 1%については、低温ストレスに対して重複遺伝子の発現比が有意に変わることを見いだした。このことは、融合前のネットワークの大部分は融合後も維持される一方、環境応答に重要な遺伝子は両親の違いが融合後も保たれ、より広い環境耐性に寄与している、という仮説を支持する。現在、HomeoRoq を用いて様々な時代に起きた倍数体種分化を解析し、合成生物学的に種分化プロセスの一部を再現する実験を目指している。



1. HFSP に応募した理由

もともと分子生物学を越えた分野間共同研究を指向してきました。共同研究者の瀬々君とは高校時代から友人で、大学では彼は情報学、私は生物学という別の方向に進みましたが、10 年以上たってみると、どちらも情報学と生物学の接点に近付いてきていました。これは共同研究で新しいことをできるのではないかと話し始め、非モデル生物の分子遺伝学技術を開発してきた Angela Hay さんとともに研究計画を練りました。

2. HFSP のメリット

受賞後、PI の 3 人とも所属が変わって、全員テニュアポジションになりました。ちょうどキャリアの転換期であったこともありますが、HFSP のグラントの役割も大きく、たいへん感謝しています。HFSP のグラントで購入した機器は、研究機関ではなく研究者個人に属することが明記されているため、新しい研究機関に移る際に大きな強みになります。

また、HFSP プログラムは、海外に住む日本人 PI と、日本の研究者とのネットワークの形成にも大きな役割を果たしていると思います。私自身、大学院までは日本で過ごしたのちに、ポスドク以降アメリカとスイスで研究をしてきましたが、HFSP プログラムのおかげで、日本の大学や学会に訪れて議論する機会が増えました。微力ながら、日本人の学生やポスドクの人たちに、世界の舞台で研究する楽しみを伝えられたらと考えています。2012 年 12 月の分子生物学会では、HFSP グラントについて紹介するランチョンセミナーで講演する機会を頂き大変嬉しく思っています。

3. 助成期間を振返って

女性 PI の産休や全員のラボ引っ越しなどがあり、未だ 2 年が過ぎたばかりの道のり半ばです。重複ゲノムを次世代シーケンサーで解析する手法を確立できたので、いよいよどのように新種が新たな環境応答能を得るのかに迫ろうとしています。

4. 具体的な成果（学会などでの発表例、学術雑誌などへの掲載例）

主な論文はこれから出版予定ですが、以下がその一部です。学会発表は 5 つほどです。

1. Akama, S., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K.*, Sese, J*. (* corresponding authors) Genome-wide quantification of homeolog expression ratio revealed non-stochastic gene regulation in synthetic allopolyploid Arabidopsis. Nucleic Acid Research, (2014, in press).

2. Mandakova, T., Kovarik, A., Zozomova-Lihova, J., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., Mummenhoff, K., Marhold, K., Lysak, M.A. The more the merrier: recent hybridization and polyploidy in Cardamine. Plant Cell, 25, 3280-95 (2013).

3. Yamada, M., Shimizu-Inatsugi, R., Shimizu, K.K., Sese, J. Quantified expression levels of genes in allopolyploid species. IPSJ SIG technical reports, 2012-BIO-28(1), 1-2.

5. 今後の HFSP への応募者に向けたメッセージ

学際的・国際的な基礎研究をおこなうにあたって、HFSP は世界に類を見ないすばらしいグラントです。最近、日本の若い研究者が国内指向になっているように感じますが、ぜひ HFSP を活用して世界の舞台で活躍してほしいと思います。